


 猫も杓子も

Geneious Prime でシーケンス解析

第 38 回 自動解析ワークフローの作成 3



(動作確認)

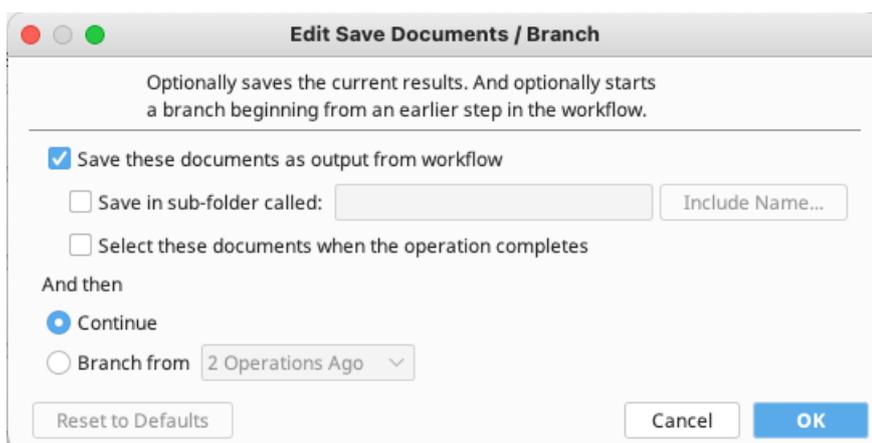
Geneious では、ワークフロー機能を使用することで、よく使用する解析の組み合わせを実行するために必要な別々のステップをグループ化し、解析を自動化することができます。

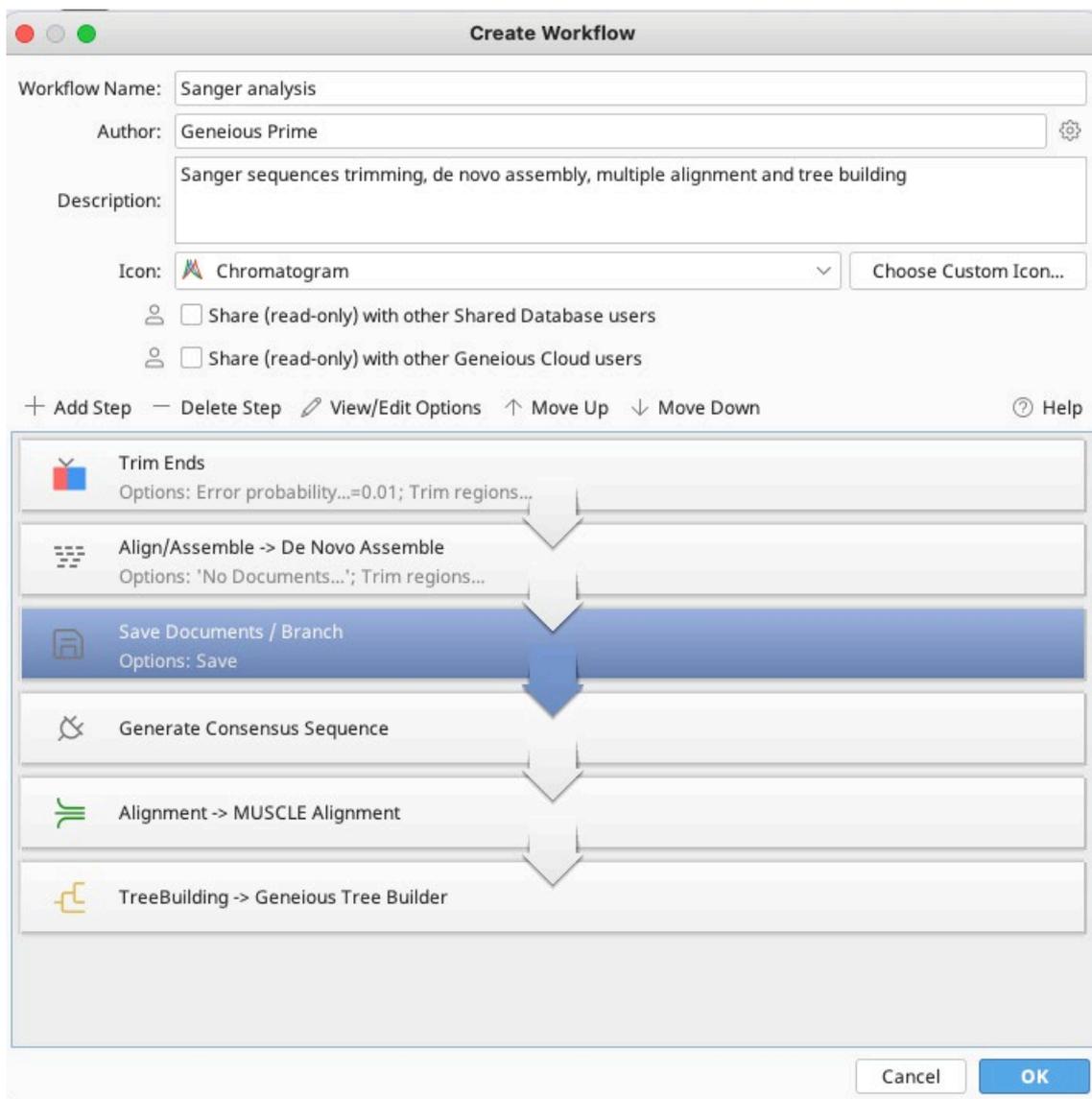
[チュートリアル用のデータがこちらからダウンロード可能](#)です。ダウンロードした zip ファイルは解凍せずに Geneious Prime にドラッグ&ドロップすることでインストールできます。

前回の記事:[第 37 回 自動解析ワークフローの作成 2 \(ステップの追加\)](#) で、新しいワークフローに解析ステップを追加し、オプションを設定できましたので、ワークフローを完成させ、動作確認を行います。

ワークフローは設定した最後のステップの結果(ここまでの設定では系統樹)のみを保存します。もし途中のアウトプットを保存したい場合は、Add Step メニューから Save Documents / Branch という保存用のステップを追加する必要があります。

例えば今回の例で、De novo assembly ステップで生成されたコンティグを保存したい場合は、Save Document / Branch ステップを以下のオプションで追加し、De novo assembly ステップの下にドラッグ&ドロップで移動します。



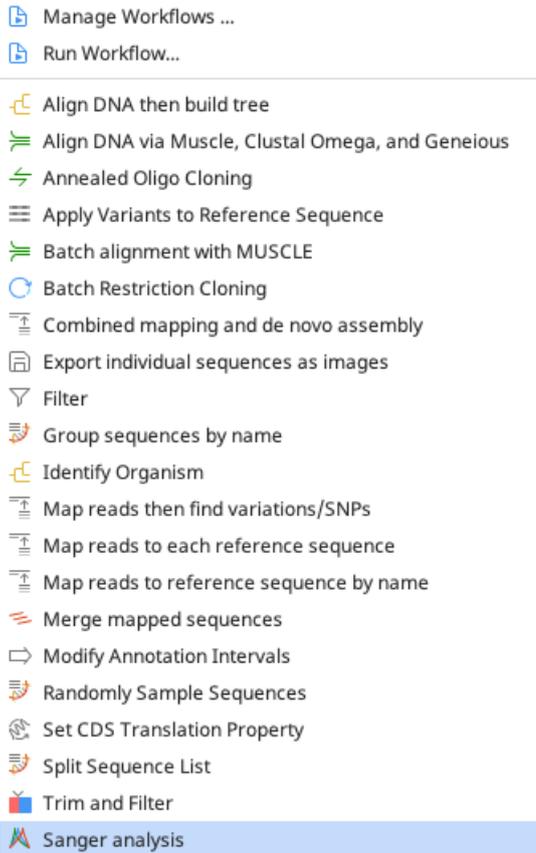


OK をクリックするとワークフローの設定が完了します。

続いて、作成したワークフローが想定通りに動作するかどうかを、サンプルデータで確認します。

チュートリアルファイルで提供されているサンプルのクロマトグラムをすべて選択し、ツールメニューまたはツールバーから、作成したワークフローを実行します。

	Name ^	Description
✓	DSFSE087-07~F_1.ab1	-
✓	DSFSE087-07~R_1.ab1	-
✓	DSFSE088-07~F_1.ab1	-
✓	DSFSE088-07~R_1.ab1	-
✓	DSFSE089-07~F_1.ab1	-
✓	DSFSE089-07~R_1.ab1	-
✓	DSFSE325-08~F1_1.ab1	-
✓	DSFSE325-08~R1_1.ab1	-
✓	FOA088-04F_A11.ab1	-
✓	FOA088-04R_A11.ab1	-
✓	FOA089-04~F_A02.ab1	-
✓	FOA089-04~R_A02.ab1	-
✓	FOA091-04F_F12.ab1	-
✓	FOA091-04R_F12.ab1	-
✓	FOA092-04F_E12.ab1	-
✓	FOA092-04R_E12.ab1	-



Tree Build method は Neighbor-Joining を選択します。



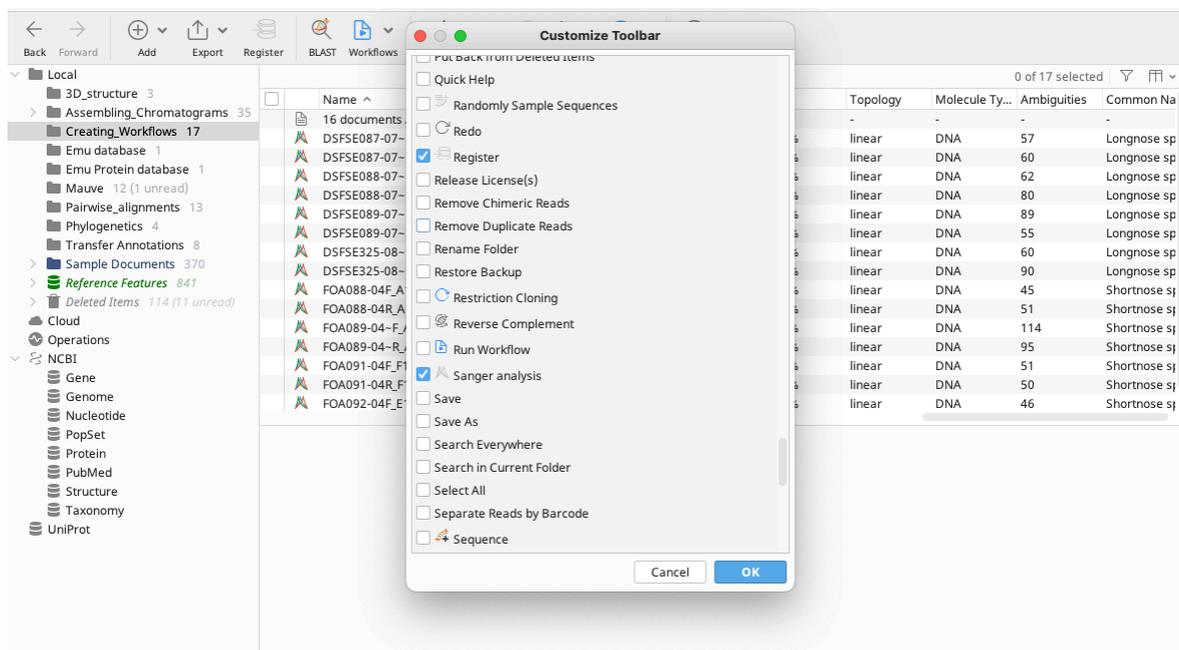
設定したように、サンプルごとのアセンブリドキュメントと、すべてのサンプルを含む系統樹が得られればワークフローは正しく作成され、動作しています。

ツリービューのオプション「Show Tip Labels」で、各サンプルの Species(種)または Common name(共通名)を選択できます。1 回のバーコーディング PCR で、形態的に似ている 2 つの種を区別できることにご注目ください。

ワークフローに新しいステップを追加する前には、ご自身のデータで各ステップをテストし、すべてが期待通りに実行されることを確認してから追加していくことをお勧めします。

新しく構築したワークフローにすばやくアクセスしたい場合は、ツールバーを右クリックして Customize を選択し、作成したワークフローにチェックを入れることで、ツールバーに直接アクセス

を追加することができます。また、さまざまな解析の設定時に左下隅に表示される歯車ボタンを押すと表示される Show Toolbar Shortcut オプションを使って、ツールバーにボタンを追加することもできます。



今回はプライマーデザイン機能についてご紹介する予定です。

Geneious 製品概要・フリートライアルリクエストについては[こちら](#)

『Geneious Prime で猫も杓子もシークエンス解析』過去の記事は[こちらでチェック!](#)